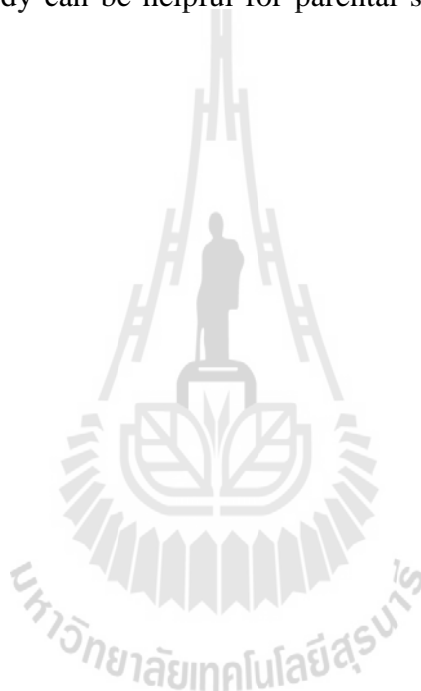


SANDAR MOE : RELATIONSHIPS OF SOYBEAN (*Glycine max* L.)
ACCESSIONS BASED ON AGRO-MORPHOLOGICAL, PHYSIOLOGICAL
TRAITS AND DNA POLYMORPHISMS
THESIS ADVISOR : TEERAYOOT GIRDTHAI, Ph.D., 150 PP.

SOYBEAN ACCESSIONS/MORPHOLOGICAL TRAIT/PHYSIOLOGICAL
TRAIT/DNA POLYMORPHISMS/ISSR MARKERS

In breeding program, genetic diversity evaluation among germplasms is an importance and a prerequisite. The objectives of this research were; 1) to evaluate the diversity of soybean accessions based on agro-morphological, physiological traits and DNA polymorphism using ISSR markers and 2) to identify the correlation of the tested traits. ANOVA test for agro-morphological traits showed that the variations due to genotypes were highly significant. For agro-morphological traits, 94 accessions were grouped into 7 different clusters at similarity coefficient 0.52 by using Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA). The analysis revealed that cluster I, II, III, IV, V, VI, and VII consisted of 23, 37, 5, 4, 18, 5, and 2 soybean accessions. Positive and significant correlations were observed between yield and all other traits, except seeds per pod. Physiological traits were studied on 27 soybean accessions with maturity date of more than 100 days. The analysis of variance for physiological traits showed that the variations due to genotypes were significant. In the physiological traits, there were negative and highly significant correlations between specific leaf area (SLA) and yield (-0.54^{**}) while SLA showed no association with SPAD chlorophyll meter reading, SCMR (-0.39^{ns}). Yield and SCMR were also not correlated (0.20^{ns}). For the physiological traits, 4 major groups were divided

for 27 soybean accessions by using UPGMA method. Cluster I, II, III, and IV consisted of 11, 5, 9, and 12 soybean accessions. A large genetic diversity was detected among the samples based on estimation of DNA products amplified from seven selected ISSR primers, with the similarity coefficient varying from 0.5 to 1.0. The highest similarity with S_{ij} , 1.0 was observed between Forrest and OTOOTAN and between Ka La Dam and Prolina. Genetic patterns and correlation information obtained from this study can be helpful for parental selection in the future breeding program.



School of Crop Production Technology

Academic Year 2012

Student's Signature_____

Advisor's Signature_____

Co-advisor's Signature_____

แซนคาร์ โม : ความสัมพันธ์ของถั่วเหลือง (*Glycine max* L.) สายพันธุ์ต่าง ๆ โดยใช้
ลักษณะทางสัณฐานวิทยา สรีรวิทยา และความแตกต่างของดีเอ็นเอ (RELATIONSHIPS OF
SOYBEAN (*Glycine max* L.) ACCESSIONS BASED ON AGRO-MORPHOLOGICAL,
PHYSIOLOGICAL TRAITS AND DNA POLYMORPHISMS)
อาจารย์ที่ปรึกษา : อาจารย์ ดร. ชีรยุทธ เกิดไทย, 150 หน้า.

การประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นสิ่งที่สำคัญ และควรทำเป็นอันดับแรกใน
โปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ 1. ประเมินความหลากหลายทาง
พันธุกรรมของถั่วเหลืองสายพันธุ์ต่าง ๆ โดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยา สรีรวิทยา และความ
แตกต่างของดีเอ็นเอโดยใช้เครื่องหมาย ISSR และ 2. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะต่าง ๆ
จากการศึกษาพบว่าถั่วเหลืองสายพันธุ์ต่าง ๆ มีความแตกต่างทางสัณฐานวิทยาอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง
ทางสถิติ โดยถั่วเหลืองทั้ง 94 สายพันธุ์สามารถแบ่งกลุ่มได้ 7 กลุ่มที่ระดับสหสัมพันธ์ความ
คล้ายคลึง 0.52 โดยวิธี Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) ซึ่งกลุ่มที่
1, 2, 3, 4, 5, 6 และ 7 ประกอบด้วยถั่วเหลือง 23, 37, 5, 4, 18, 5 และ 2 สายพันธุ์ตามลำดับ และพบว่า
ผลผลิตมีความสัมพันธ์ทางบวกกับลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ศึกษาอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ
ยกเว้นกับลักษณะเมล็ดต่อฝัก และจากการศึกษาลักษณะทางสรีรวิทยาโดยคัดเลือกจากสายพันธุ์ต่าง
ๆ 27 สายพันธุ์ ที่มีอายุเก็บเกี่ยวมากกว่า 100 วันหลังปลูก พบว่าทั้ง 27 สายพันธุ์ มีความแตกต่างทาง
สรีรวิทยาอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยพบว่าผลผลิตมีความสัมพันธ์ทางลบกับลักษณะพื้นที่ใบ
จำเพาะ (SLA) (-0.54**) ในขณะที่ลักษณะ SLA ไม่มีความสัมพันธ์กับลักษณะ SPAD chlorophyll
meter reading (SCMR) (-0.39^{ns}) และยังพบว่าผลผลิตไม่มีความสัมพันธ์กับลักษณะ SCMR (0.20^{ns})
โดยถั่วเหลืองทั้ง 27 สายพันธุ์ สามารถแบ่งกลุ่มออกด้วยวิธี UPGMA ได้เป็น 4 กลุ่ม ซึ่งกลุ่มที่ 1, 2,
3, และ 4 ประกอบด้วยถั่วเหลือง 11, 5, 9 และ 2 สายพันธุ์ นอกจากนี้ยังพบความแตกต่างของสาย
พันธุ์จากการประเมินโดยใช้เครื่องหมาย ISSR 7 ชนิดที่สหสัมพันธ์ความคล้ายคลึงตั้งแต่ 0.5 ถึง 1.0
โดยที่ระดับสหสัมพันธ์ความคล้ายคลึงสูงสุด 1.0 พบความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ Forrest และ
OTOOTAN และระหว่างสายพันธุ์ KaLa Dam และ Prolina รูปแบบของลักษณะทางพันธุกรรม และ
ข้อมูลความสัมพันธ์ของลักษณะต่าง ๆ จากการทดลองนี้สามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกสายพันธุ์พ่อ
แม่ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์พืชได้อีกด้วย

สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช

ปีการศึกษา 2555

ลายมือชื่อนักศึกษา_____

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา_____

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม_____